

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Факультет прикладной математики и информатики

Кафедра дискретной математики и алгоритмики

Аннотация к магистерской диссертации

**АНАЛИЗ МУТАЦИЙ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ТУБЕРКУЛЁЗА,
СВЯЗАННЫХ С ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ**

Ковалев Иван Сергеевич

Научный руководитель — доктор. физико-математических наук,
профессор А. В. Тузиков

2015

Реферат

Магистерская диссертация, 77 страниц, 28 рисунков, 10 таблиц, 38 источников, 1 приложение.

БИОИНФОРМАТИКА, СТАТИСТИЧЕСКОЕ ОБУЧЕНИЕ, АНАЛИЗ ДАННЫХ, ГРАФИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ, ПОИСК АССОЦИАЦИЙ.

Объект исследования — последовательности ДНК микобактерий туберкулёза, а также зависимость между изменениями фенотипа организмов и их генетическими мутациями.

Цель работы — разработка методологии поиска ассоциаций между фенотипом и генотипом патогенных бактерий, в частности микобактерий туберкулёза, разработка соответствующего программного обеспечения в среде R, а также исследование лекарственной устойчивости микобактерий туберкулёза к различным препаратам противотуберкулёзной терапии, вызываемой точечными мутациями.

Результат работы — разработана методология полногеномного поиска ассоциаций в микобактериях туберкулёза, исследованы различные алгоритмы и подходы к оценке значимости как отдельных, так и множественных мутаций, создано программное обеспечение для осуществления анализа значимости мутаций, проведено исследование зависимости устойчивости к лекарственным препаратам от имеющихся в геноме бактерий туберкулёза мутаций, проведено сравнение найденных значимых мутаций с ранее известными.

Методы исследования — математическая статистика, статистическая генетика, машинное обучение, методы оптимизации, теория графов. Область применения: медицинская диагностика, молекулярная биология, клиническая медицина.

Abstract

Master thesis, 77 pages, 24 figures, 10 tables, 38 references, 1 appendix.

BIOINFORMATICS, STATISTICAL LEARNING, DATA ANALYSIS, GRAPHICAL MODELS, ASSOCIATION STUDY.

Object of research — nucleotide sequences of mycobacterium tuberculosis and dependency between genomic mutations and phenotypic changes.

Purpose — develop methodology for pathogenic bacteria's association study, in particular mycobacterium tuberculosis; develop software tools using R programming language for association study; study antitubercular drug resistance properties of mycobacterium tuberculosis organisms caused by point mutations.

Result of current work – as the result of current research mycobacterium tuberculosis genome-wide association study methodology was developed, different algorithms and methods of single and multiple mutations' significance estimation were studied, software tools and programs for conducting significance analysis were created and evaluated, resistance properties to multiple drugs have been studied in mycobacterium tuberculosis population, discovered significant mutations have been compared with already known.

Research methods: mathematical statistics, statistical genetics, machine learning, optimization methods, graph theory. Applications: medical diagnostics, molecular biology, clinical medicine.